

Przyrównanie sekwencji

Mało wiarygodne dla dalekich homologów (<35% ident. sekw.)

SLIDING CAMP PROTEIN

12% identyczności

1PLQ	MLEAKF--EEASLFKRIID-----GFKDCVQLVN---FQCKEDGIIAQA
2POL	--EVEFTLPQATM-KRLIEATQFSMAHQDVRYYLNGMLFETEGEELRTVA
1PLQ	VDDSRVLLVSLEIGVEAFQEYRCDHPVTLGMDLTSLSKILRCGNNTDTLT
2POL	TDGHR LAVCSMPIG----QSLPSHSVIVPRKGVIELMRMLDGGDNPLRVQ
1PLQ	LIADNTPDSI-ILLFEDTKKD-RIAEYSL-----KLMDIDADFLKIEE
2POL	IGSNNIRAHVGDFIFITSKLVDGRFPDYRRVLPKNPDKHLEAGCDLLK---
1PLQ	LQYDSTLSLPSSEFSKIVRDLSQLSDSINIMITKETIKFVADGDIGSGSV
2POL	-QAFARAAILSNEKFRGVR-----LYVSENQLKITAN-----
1PLQ	I IKPFVDMEHPETS IKLEMDQPVDLT-----FGAKYLLDI IKG---
2POL	-----NPEQE---EAE EILDVTYSGAEMEIGFNVS YVLDVLNALKC
1PLQ	----SSLSDRV-GIRL---SSEAPALFQFDLKS GFLQFFLAPKFND EE
2POL	ENVRMMLTDSVSSVQIEDAASQSAAYVVM PMRL-----

